

LT	AATGGCGACAGATTATACCGTGCTGACTCTAGACCCCCAGATGAATAAAACGTTTCCGG	
	N G D R L Y R A D S R P P D E I K R F R	20

	N D D K L Y R A D S R P P D E I K Q S G	20
CT	AATGATGATAAGTTATATCGGGCAGATTCTAGACCTCCTGATGAATAAAGCAGTCAGGT	
LT	AGTCTTATGCCCAGAGGT...AATGAGTACTTCGATAGAGGAAGTCAATGAATATTAAT	
	S L M P R G Q N E Y F D R G T Q M N I N	39

	G L M P R G Q S E Y F D R G T Q M N I N	40
CT	GGTCTTATGCCAAGAGGACAGAGTGAGTACTTTGACCGAGGTACTCAATGAATATCAAC	
LT	CTTTATGATCAGCGGACAGGAACACAAACCGGCTTTGTCAGATATGATGACGGATATGTT	
	L Y D H A R G T Q T G P V R Y D D G Y V	59

	L Y D H A R G T Q T G P V R H D D G Y V	60
CT	CTTTATGATCATGCAAGAGGAAGTCAAGCGGGATTTGTTAGGCACGATGATGCATATGTT	
LT	TCCACTTCTCTTAGTTGAGAAGTGCTCAGTACAGGACAGTATATATTATCAGCATAT	
	S T S L S L R S A H L A G Q Y I L E G Y	79

	S T S I S L R S A H L V G Q T I L S G H	80
CT	TCCACCTCAATTAGTTTGAGAAGTGCCCACTTAGTGGGTCAAACCTATATTGCTCTGCTCAT	
LT	TCACCTACTATATATATCGTTATAGCA.....AATATGTTTAATGTTAATGATGTA	
	S L T I Y I V I A N M F N V N D V	96

	S T Y Y I Y V I A T A P N M F N V N D V	100
CT	TCTACTTATTATATATATGTTATAGCCACTGCACCCAACATGTTTAACGTTAATGATGTA	
LT	ATTAGCGTATACAGCCCTCACCCATATGAACAGGAGGTTTCGCGTTAGGTGGAATACCA	
	I S V Y S P H P Y E Q E V S A L G G I P	116

	L G A Y S P H P D E Q E V S A L G G I P	120
CT	TTAGGGGCATACAGTCCTCATCCAGATGAACAAGAAGTTCTGCTTTAGGTGGGATTCCA	

FIG. 1A

```

LT  TATTCTCAGATATATGGATGGTATCGTGTTRATTTTGGTGTGATTGATGAACGATTACAT
    Y S Q I Y G N Y R V N F G V I D E R L H 136
-----
    Y S Q I Y G N Y R V H F G V L D E Q L H 140
CT  TACTCCCAATATATGGATGGTATCGAGTTCATTTTGGGGTGCTTGATGAACAATTACAT

LT  CGTAACAGGGGAATATAGAGACCGGTATTACAGAAATCTGAATATAGCTCCGGCAGAGGAT
    R N R E Y R D R Y Y R N L N I A P A E D 156
-----
    R N R G Y R D R Y Y S N L D I A P A A D 160
CT  CGTAATAGGGGCTACAGAGATAGATATTACAGTAACCTAGATATTGCTCCAGCAGCAGAT

LT  GGTTCACAGATTAGCAGGTTTCCACCGGATCACCAAGCTTGGAGAGAAGAACCCTGGATT
    G Y R L A G F P P D H Q A W R E E P W I 176
-----
    G Y G L A G F P P E H R A W R E E P W I 180
CT  GGTTCATGGATTGGCAGGTTTCCCTCCGGAGCATAGAGCTTGGAGGGAAGAGCCGTGGATT

LT  CATCATGCACCACAAGGTTGTGGAGATTTCATCAAGAACAATCACAGGTGATACCTTGTAAAT
    H H A P Q G C G D S S R T I T G D T C N 196
-----
    H H A P P G C G N A P R S S I S N T C D 200
CT  CATCATGCACCGCCGGGTTGTGGGAATGCTCCAGATCATCGATCAGTAATACTTGGCAT

LT  GAGGAGACCCAGAATCTCACCACATATATCTCAGGGAATATCAATCAAAAGTTAAGAGG
    E R T Q N L S T I Y L R E Y Q S X V K R 216
-----
    E K T Q S L G V K F L D E Y Q S K V K R 220
CT  GAAAAAACCCAAAGTCTAGGTGTAAATTCCTTGACGAATACCAATCTAAAGTTAAAGA

LT  CAGATATTTTCAGACTATCAGTCAGAGGTTGACATATATAACAGAATTCGGGATGAATTATGA
    Q I F S D Y Q S E V D I Y N R I R D E L *
-----
    Q I F S G Y Q S D I D T H N R I K D E L *
CT  CAAATATTTTCAGGCTATCAATCTGATATTGATACACATAATAGAATTAAGGATGAATTATGA

```

FIG. 1B

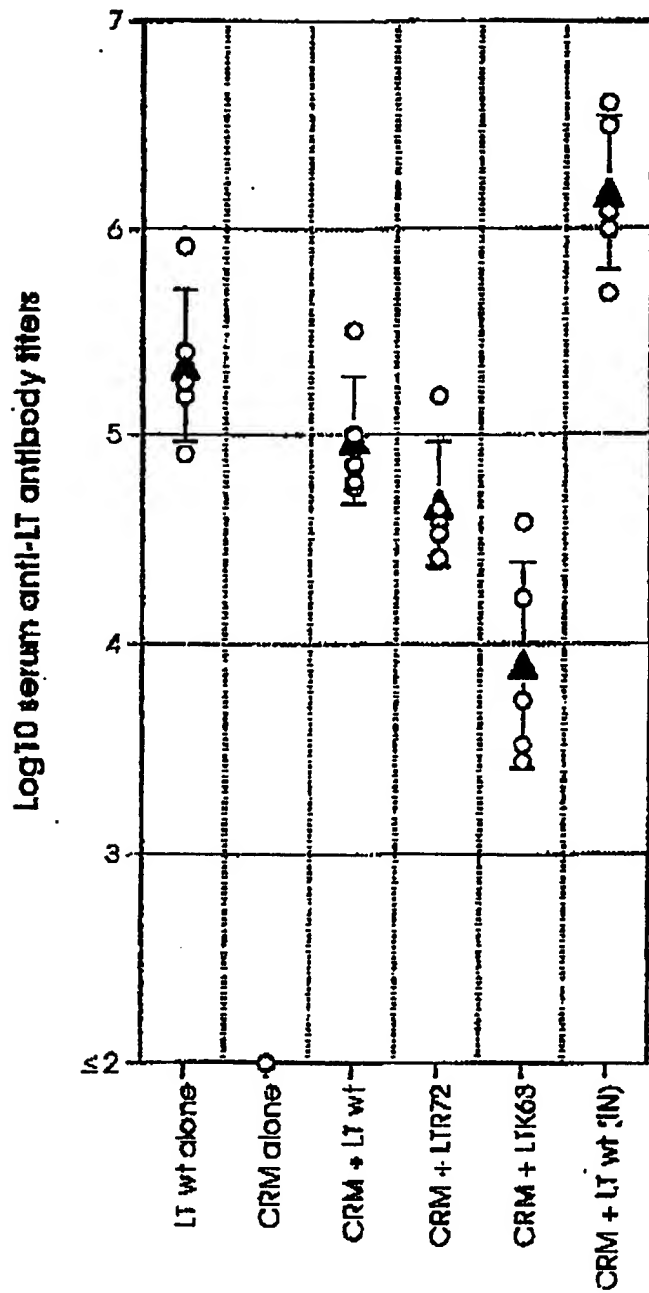


FIG. 2